

1 MGKGNQGEAAEREVSVP TFSWEEIQKH N 008879
 1 MVSPSIEVLNSIADGKKY - - ITSKE LKKH N GI 1040729

 31 LRTDSGLV IDRK VYNI TKW S IQHPGGQ RVI 008879
 29 NPNDLWIS I LGK VYNVT E WAK EHPGG DAP L GI 1040729

 61 GHYAGEDATDAFR AFHPD LEFVGKFLKPL L 008879
 59 INLAGQDVTDAFI AFHPGTAW - - KHL DKL F GI 1040729

 91 IG - ELAP EEP SQDHGKNSKI TE DFRALRKT 008879
 87 TGYHLKDYQVSD - - - - - ISRDYRK LASE GI 1040729

 120 AEDMNL F - - KTNHVFFLL LAHI IALESI A 008879
 110 FAKAGMFEKKGHGVIYSL CFVSL LLSACV - GI 1040729

 148 WFTVFYFGNGWIPTLI TAFVLA TSQAQAGW 008879
 139 - YGVLYSGSFWI HMLSGA - I LGLAWMQ IAY GI 1040729

 178 LQHDYGHLSVYRKPKWNH L VHKFVIGH LKG 008879
 167 LGHDAGHYQMMATRGWNKFAGIFIGNCITG GI 1040729

 208 ASANWNNHRRHFQH HAKPNI FHKDPPDVNML H 008879
 197 ISIAWKNWTHNAHHIACN SLDYD PDLQHLP GI 1040729

FIGURE 1A

238 V F V L G E - - W Q P I E - - Y G K K K L K Y L P Y N H - 008879
 227 M L A V S S K L F N S I T S V F Y G R Q - L T F D P L A R F GI 1040729

 262 - - - Q H E Y F F L I G P P L L I P M Y F Q Y Q I I M T M 008879
 256 F V S Y Q H Y L Y P I M C V A R V N L Y L Q - - T I L L L GI 1040729

 288 I V H K N W V D L A W A V S Y Y I R F F I T Y I P F Y G I L 008879
 284 I S K R K I P D R G - - - - - - - - - - - L N I L GI 1040729

 318 G A L L F L N F I R F L E S H W F V W - - - - - - - - - 008879
 298 G T L I F W T W F P L L V S R L P N W P E R V A F V L V S F GI 1040729

 337 - V T Q M N H I V M E I D Q - - - E A Y - - - - - R D W F 008879
 328 C V T G I Q H I Q F T L N H F S G D V Y V G P P K G D N W F GI 1040729

 357 S S Q L T A T C N V E Q S F F N D W F S G H L N F Q I E H H 008879
 358 E K Q T R G T I D I A C S S W M D W F F G G L Q F Q L E H H GI 1040729

 387 L F P T M P R H N L H K I A P L V K S L C A K H G I E Y Q E 008879
 388 L F P R L P R C H L R S I S P I C R E L C K K Y N L P Y V S GI 1040729

 417 K P L L R A L L D I I R S L K K S G - - - - - - - - - 008879
 418 L S F Y D A N V T T L K T L R T A A L Q A R D L T N P A P Q GI 1040729

FIGURE 1B

008879
GI 1040729

306P6T636T636

435 KL - WLDAYLHK
448 NL AWEAFNTHG

FIGURE 1C

1 M - - - - - A M E G Y W R F L A L L G S A L L V G 2274011
 1 M E G G A A A T P T A L P Y Y V A F S Q L L G L T L - - - GI 1345640

 21 F L S V I F A L V W V L H Y R E G L G W D G S A L E F N W H 2274011
 28 - - - V A M T G A W L G L Y R G G I A W E - S D L Q F N A H GI 1345640

 51 P V L M V T G F V F I Q G I A I I V Y R L P W T W K C S K L 2274011
 54 P L C M V I G L I F L Q G N A L L V Y R V - - F R N E A K R GI 1345640

 81 L M K S I H A G L N A V A A I L A I I S V V A V F E N H N V 2274011
 82 T T K V L H G L L H I F A L V I A L V G L V A V F D Y H R K GI 1345640

 111 N N I A N M Y S L H S W V G L I A V I C Y L L Q L L S G F S 2274011
 112 K G Y A D L Y S L H S W C G I L V F V L Y F V Q W L V G F S GI 1345640

 141 V F L L P W A P L S L R A F L M P I H V Y S G I V I F G T V 2274011
 142 F F L F P G A S F S L R S R Y R P Q H I F F G A T I F L L P GI 1345640

 171 I A T A L M G L T E K L I F S L R D P A Y S T F P P E G V F 2274011
 172 V G T A L L G L K E A L L F N L - G G K Y S A F E P E G V L GI 1345640

 201 V N T L G L L I L V F G A L I F W I V T R P Q W K R P K E P 2274011
 201 A N V L G L L L A C F G G A V L Y I L T R A D W K R P S Q A GI 1345640

FIGURE 2A

206T20T06T260

231	N	S	T	I	L	H	P	N	G	G	T	E	Q	G	A	R	G	S	M	P	A	Y	S	G	N	N	M	D	K	S	2274011
231	E	E	Q	A	L	S	M	D	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	GI 1345640
261	D	S	E	L	N	E	V	A	A	R	K	R	N	L	A	L	D	E	A	G	Q	R	S	T	M	2274011					
241	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	T	L	R	Q	G	D	S	P	G	S	Q	GI 1345640			

FIGURE 2B